

Modelo SIER para el análisis del COVID-19 en la República Dominicana *

Vicente L. de Peña Peralta^{1†} Francisco A. Ramírez de León^{2‡}

¹Escuela de Economía, UASD

² Escuela de Economía UASD - PUCMM

31/03/2020

Resumen

Al cierre del primer trimestre de 2020, la República Dominicana se une a los países que a nivel global están siendo afectados por la propagación del nuevo coronavirus (COVID-19). La ausencia de vacunas o retrovirales para combatir el patógeno, ha concentrado los esfuerzos de las autoridades sanitarias en medidas de distanciamiento social a fines de “aplanar la curva”. Usando un modelo SEIR, calibrado a los datos de infectados reportados por el Ministerio de Salud Pública entre 1-30 de Marzo, se analiza la dinámica de la pandemia y se evalúa el impacto de distintas medidas de distanciamiento inducidas por las autoridades sobre la trayectoria de contagios en los próximos 15 días. El modelo replica de manera adecuada los datos observados, tanto a nivel agregado, como a nivel de las principales provincias afectadas. Se concluye que las medidas de distanciamiento si bien han sido parciales, se espera reduzcan de manera sensible la propagación del virus entre la población, tanto en magnitud de infectados, como en la ralentización de la transmisión del mismo.

Palabras claves: CoViD-19, Epidemiología, SEIR.

*Los puntos de vistas expresados son de los autores y no de las instituciones en las que trabajan. Los códigos están publicados en el anexo. Pueden obtenerse, junto con los datos en el siguiente enlace: <https://github.com/chentegui1501/COVIDRD19>

[†]vdepena97@uasd.edu.do

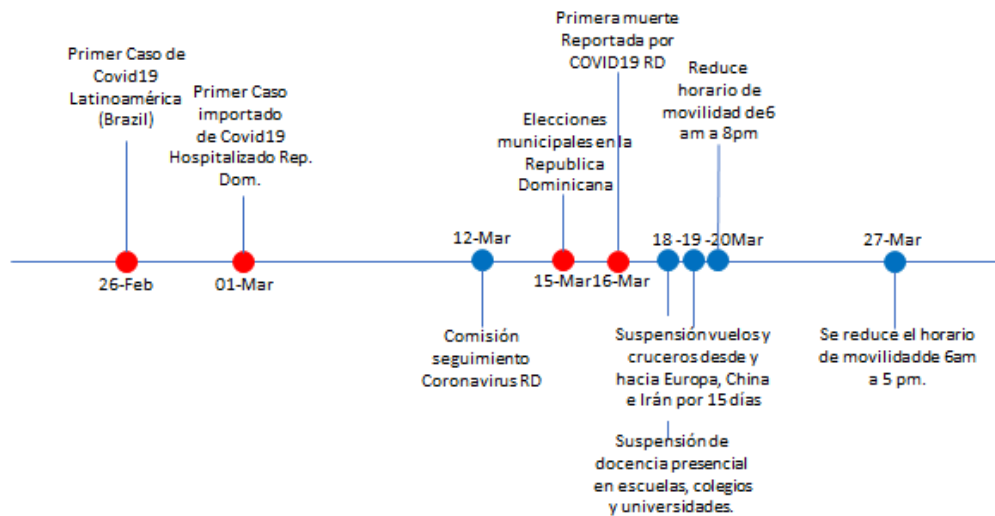
[‡]fardl0783@gmail.com

1. Introducción

A principios de enero de 2020 se reportaron los primeros casos de humanos que contrajeron COVID-19, enfermedad infecciosa causada por el virus SARS-CoV-2. Sin embargo, no fue hasta mediados de febrero que los primeros casos del virus son identificados en América Latina [BBC, Marzo 2020]. El primer caso de COVID-19 en la República Dominicana se reportó el primero de marzo, activando las acciones de respuesta por parte de la autoridad sanitaria local, el Ministerio de Salud Pública y dependencias [MSP, Marzo 2020].

Desde la identificación del patógeno en suelo dominicano, su contención se convirtió en la principal preocupación de las autoridades, quienes partiendo de las experiencias de los otros países y recomendaciones de la Organización Mundial de la Salud (OMS), lograron implementar una serie de políticas de distanciamiento con el objetivo de mitigar la propagación del virus, que hasta el momento carece de vacuna o retrovirales para combatirlo. Estas medidas fueron puestas en marcha entre los días 12 de marzo y 27 de marzo (Figura 1), y consistieron desde extensión de vacaciones, aislamiento domiciliario, hospitalarios, infectados y sospechosos, hasta la reducción en todo el país del horario de movilidad (dos veces). En adición, se incrementó la frecuencia y detalle de la información sobre prácticas de higiene y reporte de casos en las distintas provincias y a nivel nacional.

Figura 1. Línea de tiempo de los sucesos y medidas de control del COVID 19 en la República Dominicana 26 Febrero – 27 Marzo 2020. Los puntos rojos son los eventos de la pandemia, los azules son las medidas de control.



Este flujo de información generado por los reportes de seguimiento, ha permitido la implementación de modelos matemáticos que estudian la propagación de epidemias, los cuales pueden formar parte de las herramientas usadas por las autoridades para monitorear, no solo el comportamiento en el corto y largo plazo de epidemia, sino de la potencial eficacia de las políticas para alterar el curso natural de este tipo de fenómenos. Un buen ejemplo de estos, son los modelos SIR (Susceptibles, Infectados, Recuperados) y sus modificaciones introducidos por [Kermack and McKendrick, 1927], [Getz et al., 2018], entre otros. Una aplicación en el caso dominicano es presentado recientemente por [De Peña and Ramírez, 2020], quienes proponen un modelo SIR para proyectar los primeros días de propagación del virus.

Este trabajo extiende el modelo presentado por [De Peña and Ramírez, 2020], con el objetivo de estudiar la evolución potencial de la pandemia en la República Dominicana. El modelo se basa en [Lin et al., 2020] quienes utilizan un modelo epidemiológico de clases, SIER (Susceptibles, Expuestos, Infectados, Recuperados) que incorpora un nuevo grupo E , en adición a los Susceptibles, Infectados y Recuperados. Esta clase, representa las personas “Expuestas”, que resultan ser los individuos infectados, que presentan cuadro asintomático o de síntomas leves. Con esta herramienta, se analiza la eficacia de las medidas implementadas por las autoridades sanitarias, entre el 17 y el 30 de marzo, para mitigar la propagación acelerada de la pandemia. El modelo es calibrado tanto a nivel nacional, como a nivel de las provincias de mayor incidencia al momento de la publicación.

Se simulan tres escenarios relativos a la severidad de las medidas de distanciamiento establecidas por las autoridades. Estos son comparados con la trayectoria esperada de contagios si no hubiese distanciamiento, y que comprende al periodo desde el día 1 al 15 de marzo. El primero de estos escenarios, “medidas suaves”, consiste en evaluar el toque de queda establecido del día 20 al 26 de marzo. El segundo, las “medidas duras” que asemejan la situación de la segunda reducción de las horas de movilidad establecidas el 27 de marzo, que consistieron en la ampliación de las horas de “toque de queda”. El tercero, es un escenario propuesto de movilidad casi nula de la población. Asimismo, con la versión del modelo SEIR aplicado a las provincias, se analizan escenarios de la implementación de “medidas extremas” en las comunidades de mayor incidencia, mientras el resto del país es mantenido bajo medidas menos severas de distanciamiento. Los resultados de la simulación sugieren ganancias sustantivas de las medidas de distanciamiento, tanto en términos de reducir el número de contagios como en la dilatación del periodo cuando se observaría el máximo de contagios.

El resto del documento está estructurado de la siguiente manera. En la sección 2 se explica la especificación del modelo SEIR y su calibración para el caso de la República Dominicana. En la sección 3 se realiza el análisis de los datos. Los resultados de las simulaciones son presentados en la sección 4. Las conclusiones y futuras extensiones, figuran en la sección 5.

2. Metodología

Para simular la evolución del COVID-19 en la República Dominicana, se asume una población homogéneamente distribuida¹ y cerrada², que se expone ante un virus que tiene determinada tasa de infección, β ³, un periodo de incubación δ y una tasa de recuperación⁴ γ . Según el estado de infección en que se encuentre, los individuos de esta población, en cada momento del tiempo, pertenecen a uno de los grupos o clases cuya dinámica se esquematiza en la [Figura 2](#).

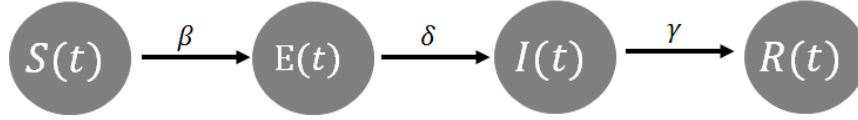
¹Se supone que estas personas no son inmunes al agente infeccioso, por lo tanto, podrían infectarse al entrar en contacto con un infectado.

²Esto implica algo subyacente y fundamental para entender el modelo: este enfoque ignora los cambios demográficos de la población. Es decir, se consideran las mismas tasas de nacimiento y muerte durante el proceso de propagación de la enfermedad. También, las inmigraciones y emigraciones son igual a cero. Las muertes son parte de los recuperados. En ese sentido, la población del modelo se considera constante. Este es un supuesto apropiado para el caso que nos compete de seguir en frecuencia diaria la evolución de los casos.

³La Ley de masas dice el número de personas susceptibles que pasan a convertirse en infecciosas, es proporcional al producto del número de individuos susceptibles por infecciosos. Es decir, todos tienen la misma capacidad de infectarse.

⁴Recuperado es una adaptación del termino *retired*, que son los individuos que no influyen en la epidemia ya sea por su condición de recuperado (se inmunizan y no contagian) o por defunción, esta tasa se refiere a ellos.

Figura 2. Diagrama de flujo para el modelo SIER determinístico en tiempo discreto con tasas de transición β , δ , γ de las clases S a E, E a I e I a R.



La primera clase, se refiere a los Susceptibles, $S(t)$, la parte de la población sana, con capacidad de infectarse. La segunda, los Expuestos $E(t)$,⁵ representan los individuos infectados, pero que están en el periodo de incubación y sin capacidad de infectar. Los Infectados, se agrupan en la tercera clase $I(t)$. Estos son capaces de transmitir la enfermedad a las personas susceptibles al entrar en contacto con ellas. La cuarta clase, los recuperados de la infección, están en $R(t)$. Estos individuos se convierten en inmunes a la enfermedad o mueren, por lo tanto no afectan la dinámica de transmisión de la enfermedad cuando entran en contacto con los demás grupos. Al asumir que la República Dominicana es un sistema cerrado con población constante, se establece que $N(t) = S(t) + E(t) + I(t) + R(t) \approx 10$ millones de personas a lo largo del paso de la epidemia.

Según [Murray, 2007], [Garduño, 2002] y [Gutierrez and Varona, 2020], para estudiar el comportamiento de la enfermedad, debemos entender y conocer los parámetros que definen la dinámica de transición entre clases. Es decir, el modelo debe ser calibrado al contexto que se desea analizar. En este sentido, se sigue el modelo propuesto por [Lin et al., 2020], para ajustar los datos oficiales presentados en [Figura 4](#) y las medidas recogidas en la [Figura 1](#). El modelo que representa lo antes descrito viene dado por el siguiente sistema de ecuaciones 1:

$$\begin{cases} S'(t) = -\frac{\beta S(t)I(t)}{N}, & S(0) = S_0, \\ E'(t) = \frac{\beta S(t)I(t)}{N} - \delta E(t), & E(0) = S_0, \\ I'(t) = \delta E(t) - \gamma I(t), & I(0) = I_0, \\ R'(t) = \gamma I(t), & R(0) = R_0, \end{cases} \quad (1)$$

$$\beta(t) = \beta_0(1 - \alpha(t))(1 - \frac{D(t)}{N})^k \quad (2)$$

La simulación inicia con el número de infectados $I(0) = I_0$, que alimenta las condiciones iniciales para el número de personas susceptibles $S(0) = N - I_0$. El número de personas expuestas y recuperadas se inicializan en $E(0) = 0$ $R(0) = 0$, respectivamente. Para habilitar el modelo con el fin de estudiar el impacto de las políticas gubernamentales y la disminución del contagio entre personas, se considera una tasa de infección $\beta(t)$ cambiante en el tiempo. Dicha tasa es función de $\alpha(t) \in (0, 1)$ que controla el impacto de las políticas sobre la tasa de propagación del virus. Asimismo, depende de $D(t)$, variable que recoge la sensación pública de riesgo derivada sobre las noticias acerca de la población que ha estado en contacto con pacientes críticos. Se asume que esta percepción depende de los individuos que estén en la clase de infectados I y la proporción

⁵Esto resulta ser una de las novedades del modelo, representa los individuos que portan la enfermedad pero que no muestran síntomas, ni pueden infectar a otros, debido al estado de incubación, en la cual se encuentra el virus en su cuerpo. Esta clase es de vital importancia para el estudios de enfermedades como COVID-19, pues estudios como [Lin et al., 2020] establecen que 81 % de los infectados resultan presentar síntomas leves, 14 % eran casos graves con dificultad para respirar y 5 % críticos con insuficiencia respiratoria, *shock* séptico y/o múltiples órganos o falla.

de personas casos que entran en fase crítica. En base a la evidencia internacional reciente, esta proporción es cercana al 5%, por lo que: $D(t) = 0,05I(t)$. Finalmente, depende de β_0 , la tasa de infección sin medidas. Como las medidas empezaron a aplicarse a mediados de marzo (16 días después del primer caso en suelo dominicano), la dinámica de $\beta(t)$, esta sujeta a la ecuación 3:

$$\beta(t) = \begin{cases} \beta_0 & \forall t \leq 15, \\ \beta(t) = \beta_0(1 - \alpha(t))(1 - \frac{D(t)}{N(t)})^k & \forall t \geq 16 \end{cases} \quad (3)$$

La idea del $(1 - \frac{D}{N})^k$ establece que si k es grande, la preocupación será mucha y la gente tomará medidas de auto-aislamiento, haciendo a $\beta(t)$ cercano a $\beta_0(1 - \alpha(t))$. Lo contrario si k es bajo, lo que indicaría que las personas no están tomando en serio la pandemia. Este parámetro se calibra acorde a [Lin et al., 2020]. No obstante, se asume un valor de $k = 100$, acorde con el contexto dominicano y similar a valores asumidos en las experiencias recientes en la Comunidad Europea.

En cuanto a la función 2, $\alpha(t)$ recoge las acciones gubernamentales y ayuda a definir el comportamiento de $\beta(t)$, en tres momentos del tiempo según las medidas tomadas y detalladas en Figura 1. Como las medidas se toman por momentos establecidos de tiempo, $\alpha(t)$, resulta ser una función escalonada definida por los siguientes valores 4.

$$\alpha = \begin{cases} 0 & \forall & t \leq 16, \\ 0,4 & \forall & 16 \leq t \leq 26 \\ 0,6 & \forall & t \geq 27, \end{cases} \quad (4)$$

La lógica subyacente en esos valores, determina el tipo de medida que tomo el hacedor de política. cuando $\alpha = 0$ se traduce en que no existen medidas de mitigación y la percepción pública de peligro, dictamina el valor de $\beta(t)$. Cuando es 1 entonces las acciones gubernamentales equivaldrían a la supresión.⁶ Generalmente los estados occidentales, toman medidas de mitigación⁷ que quedan representadas por un $\alpha \in (0,4 - 0,6)$, siendo 0.4 el equivalente a “medidas suaves” y 0.6 “medidas duras”.

La elección del resto de los parámetros para la calibración inicial del modelo, sigue la práctica de la literatura basada en estudios y experiencias anteriores, así como en el comportamiento epidemiológico del patógeno cuya propagación se desea analizar. En ese sentido, se sigue a [Tang et al., 2020], [Lin et al., 2020], con los valores que se muestran en la Tabla 1.

El comportamiento teórico del modelo, se muestra en la Figura 3 con un escenario en el que se no hubiesen tomado medidas de movilidad desde la llegada del virus. La línea verde corresponde a los individuos de la clase I y la azul a los de la clase E .

⁶Romper las cadenas de transmisión, tratando efectivamente de detener la epidemia, y reducir los casos a lo más bajo posible, como lo ha hecho China.

⁷Aceptar que no se puede detener el coronavirus, por lo tanto, disminuir su propagación y tratar de evitar el punto máximo en casos de contagio que harían colapsar al sistema público de salud.

Figura 3. Evolución del COVID-19 según el modelo SIER, sin medidas de contención aplicadas.

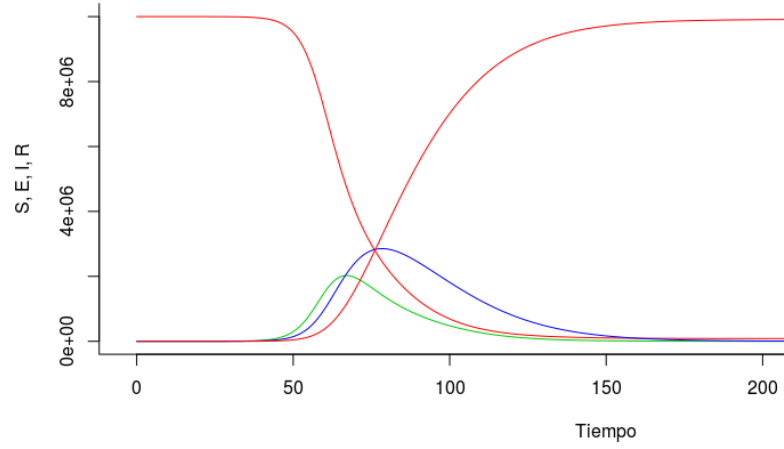


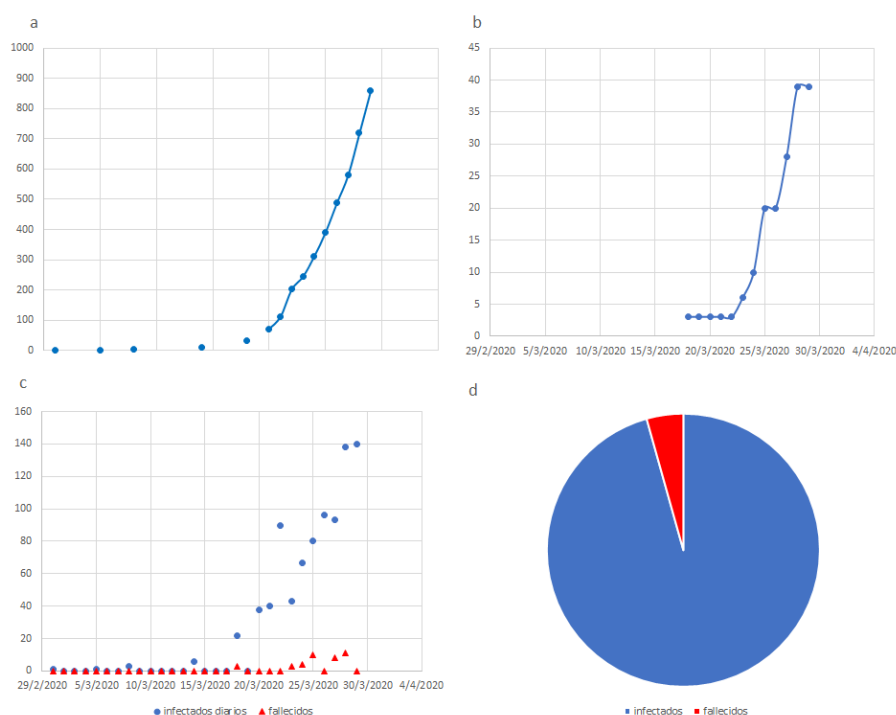
Tabla 1. Resumen valores de los parámetros utilizados

<i>Parámetro</i>	<i>Notación</i>	<i>Valor o rango</i>	<i>Observación</i>	<i>Referencia</i>
<i>Tamaño de población inicial</i>	N_0	10 millones	Constante	ONE RD 2010
<i>Población susceptible inicial</i>	S_0	$N_0 - 1$	Constante	Calibrado
<i>Velocidad de transmisión</i>	β_0	$\{0.59, 1.68\}(\text{dia}^{-1})$	Función	Calibrado
<i>Impacto de acción gubernamental</i>	α	$\{0, 0.4, 0.6\}$	Función	He y col. (2013)
<i>Intensidad de respuesta</i>	k	100	Constante	He y col. (2013)
<i>Periodo latente medio</i>	γ^{-1}	14 días	Constante	JT Wu y col. (2020)
<i>Periodo incubación medio</i>	δ^{-1}	7 días	Constante	JT Wu y col. (2020)
<i>Proporción de casos graves.</i>	re	0.05	Constante	Worldometers. (2020)
<i>Duración media de la reacción pública.</i>	D^{-1}	11,2 (días)	Constante	He y col. (2013)

3. Análisis de datos

Los datos oficiales informados por [de Epidemiología, 2020a], se presentan en la [Figura 4](#). El primer informe oficial sobre caso de coronavirus en el país llega el 17 de marzo, cuando inician los boletines especiales del Ministerio de Salud Pública. Antes de eso se informaba vía los periódicos nacionales. Esto permitió recoger los datos faltantes. La primera información sobre la existencia del Covid-19, llega con el primer hospitalizado en un centro de atención con síntomas (1ro. de marzo del 2020).

Figura 4. (a) Número de casos diarios acumulados (b) muertes acumuladas (c) casos diarios de infectados y muertes (d) Porcentaje de infectados y muertes. Color azul casos de infectados, color rojo casos de fallecidos

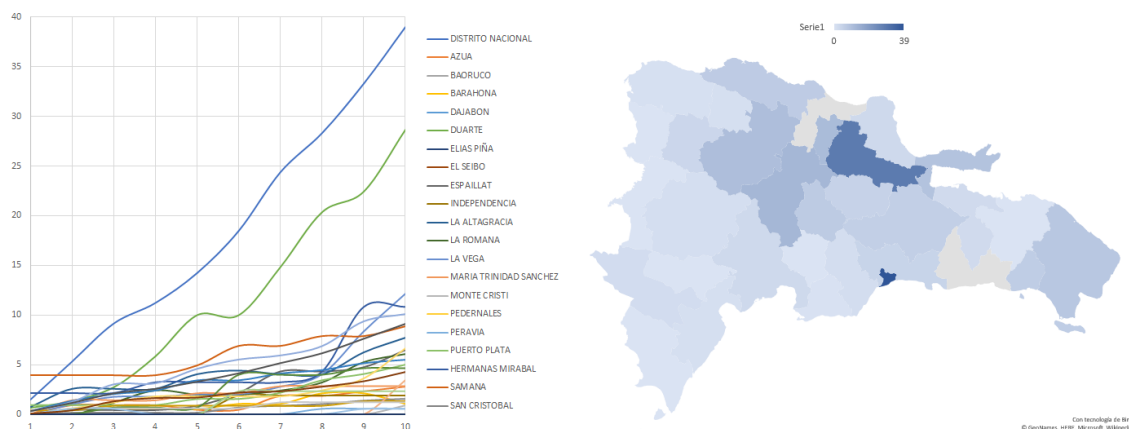


Se informa de los primeros fallecidos el día 18 de marzo, con la entrega del boletín no. 2 [de Epidemiología, 2020b]. La relación de muertes con el total de infectados es de 4.54%, lo cual es coherente con la tasa global que alcanza la misma cifra. Claramente se observa problemas con el flujo de los datos al inicio de la serie. En ese sentido, se infiere la inexistencia de una logística para generar información a la llegada de la pandemia. Actividad de vital importancia según la Organización Mundial de la Salud [Herrero, Febrero 2020], en el sentido, de que permite extraer conclusiones correctas de la evolución de la enfermedad.

Desde el punto de vista de la distribución espacial de la población, la expansión de la pandemia ha sido heterogénea. La [Figura 5](#) muestra el número de casos por cada 100 mil habitantes, a manera de normalizar por la población. Destacan el Distrito Nacional y la provincia Duarte como las comunidades con mayor incidencia, 38 y 28 por cada cien mil habitantes. En el resto del país, la incidencia no llega al momento de disponer de estos datos a 10 por cada cien mil. Esta focalización de la epidemia, es importante no tanto para el análisis de la evolución futura de los casos, sino de la

construcción de escenarios que motiven una aplicación discriminada de las medidas de limitación de la movilidad ciudadana.

Figura 5. Incidencia por cada 100 mil habitantes (Izquierda: Evolución por boletines, Derecha: Acumulado boletín número 10)

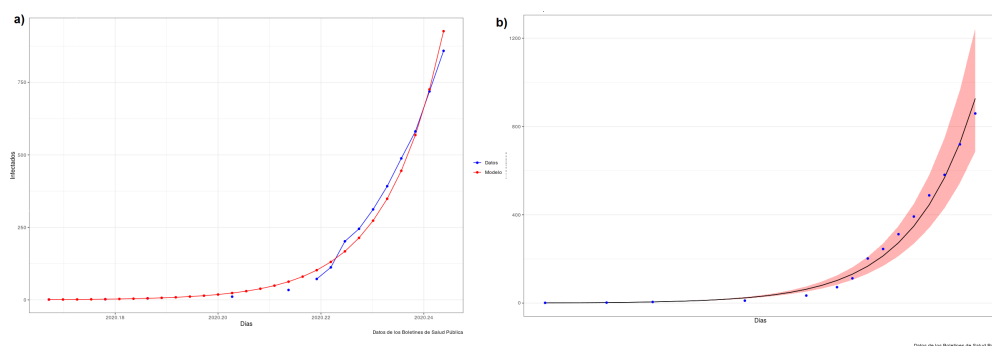


4. Simulación del modelo

La **Figura 6** (a), muestra el ajuste del modelo con los datos publicados por el Ministerio de Salud Pública. La línea roja corresponde al modelo desarrollado. Los puntos azules corresponden a los casos reportados positivos por la enfermedad en los boletines de la Dirección General de Epidemiología en el periodo comprendido entre el 1 y el 30 de marzo 2020. Se observa que para algunas fechas las predicciones no coinciden con el número de casos reportados. Esto es interpretado como la fase inicial de aprendizaje en el reporte de casos al momento de enfrentar la pandemia.

Durante ese periodo, las autoridades establecieron como pauta oficial para reportarse enfermo la sintomatología. Esto permite que una parte de los infectados asintomáticos o con síntomas leves, hagan cuarentena sin reportarse o desconociendo que sufren la enfermedad. Respecto a los últimos datos (días 21 y 27 de marzo) el modelo calibrado los predijo relativamente bien. Esto sugiere que 1) los indicadores (tratados como parámetros en el modelo para fines de simulación) epidemiológicos se han estabilizado alrededor de los promedios coherentes con los supuesto; o 2) se evidencia una curva de aprendizaje en el proceso de publicación por parte de las autoridades.

Figura 6. Evolución casos de infectados (Desempeño del modelo)



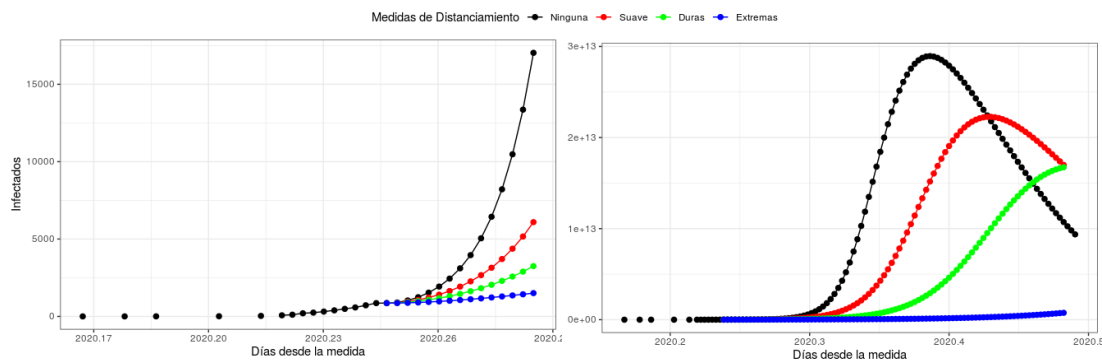
Para incorporar las discrepancias en el modelo, se considera incertidumbre sobre la tasa de contagio que se utilizó para calibrar el modelo. La Figura 6 (b) presenta la evolución de los casos del modelo contra los datos publicados. Considerando una variación de una décima en la tasa mencionada, 100 % de los casos son predichos correctamente por el modelo.

4.1. Predicción bajo distintos escenarios de movilidad

Dado que el modelo muestra un buen ajuste de los datos, el mismo es utilizado para realizar la predicción bajo distintos escenarios de movilidad de las personas en el territorio. La pertinencia de este análisis radica por una parte en evaluar la eficacia de las políticas de control de movilidad y aislamiento parcial tomadas recientemente por las autoridades sanitarias y, por otra parte, en comparar las políticas con esquemas de mayores restricciones.

Para estos fines, partiendo de los últimos datos publicados, se simula el modelo bajo tres escenarios, que se comparan con la trayectoria esperada de la epidemia en ausencia de intervención pública: 1) restricciones suaves, 2) restricciones duras y 3) restricciones severas. En términos del modelo, estas restricciones son equivalentes a disminuir de manera directa la tasa de propagación del virus, conocido en la literatura como R_0 .

Figura 7. Impacto de los movilidad sobre dinámica de los infectados



La diferencia entre los escenarios con restricciones se pueden interpretar de la siguiente manera: las restricciones suaves, simulan un escenario donde se contempla cierre de actividades y confinamiento en los hogares, y un “toque de queda” en horarios nocturnos. Asimismo, por restricciones duras se entiende un escenario con “toque de queda” en parte de las horas vespertinas y nocturnas. Finalmente, bajo restricciones severas no hay movilidad de la población y por tanto muy baja propagación del virus. Esto equivale a “toque de queda 24 horas”.

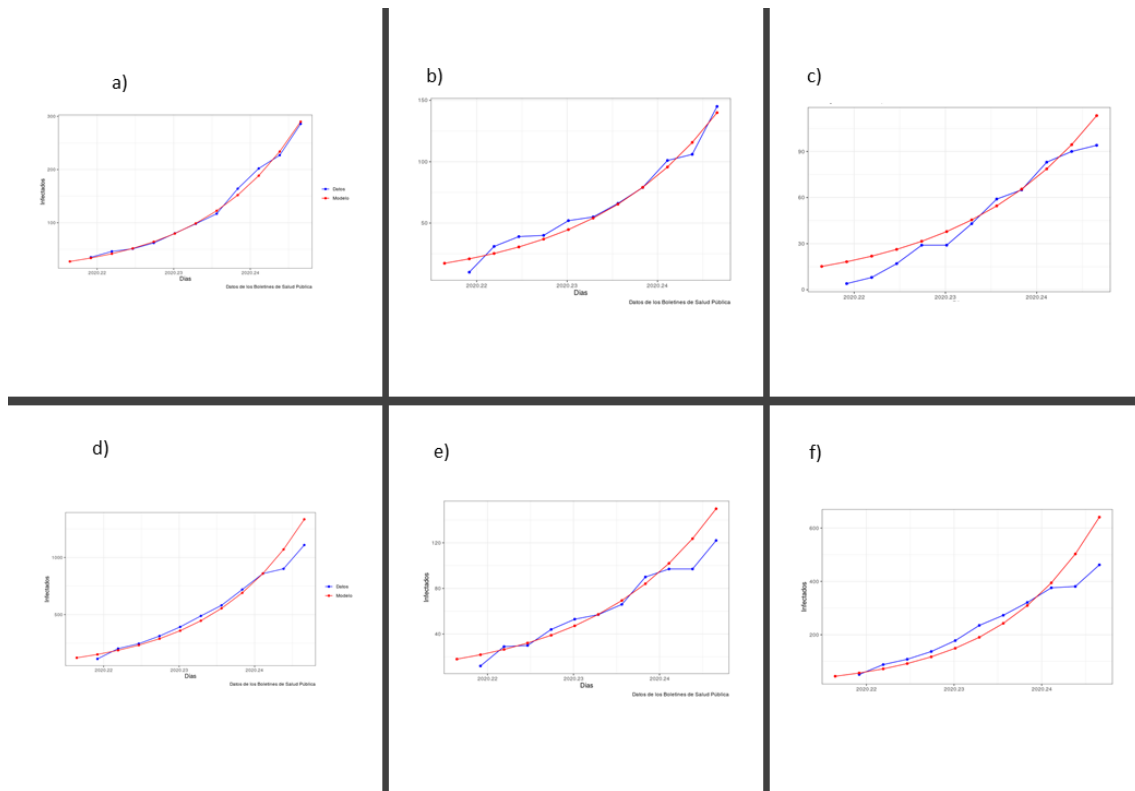
La Figura 7 muestra el resultado de las simulaciones de cada escenario para los siguientes 15 días. Como se observa, en todos los casos donde se toman medidas, se evidencia una diferencia sustantiva comparado al escenario de no intervención. De hecho, solo el confinamiento voluntario, el cese de actividades socioeconómicas y el “toque de queda nocturno”, reduciría el reporte de infectados en 10 mil casos. Asimismo, el escenario dos (“toque de queda” parcial), el número de infectados se proyecta en poco más de 2,500 en el horizonte de 15 días. Finalmente, es destacable el hecho, que un “toque de queda” o equivalente en términos de movilidad, haría que los casos se mantengan por debajo de los 1,500 al final de los 15 días. A la luz de las simulaciones, las medidas implementadas están en algún punto de los escenarios de restricciones suaves y duras.

Las medidas también tienen efectos sobre la dinámica de mediano plazo de la epidemia. Comparadas con el escenario base, sin intervención, el distanciamiento en efecto *aplana la curva*, no solo postergando el pico de contagios, sino también disminuyendo de manera sustantiva el número de contagios en dicho pico. Asimismo, la medida más severa de distanciamiento, aplanando en pocos periodos toda la curva, siendo esta la medida más efectiva desde la perspectiva de detener la dinámica inicial de los contagios, con un coste de oportunidad alto del punto de vista económico, que no son ponderados en este análisis.

4.2. Simulación del Modelo por Provincias

Una de las conclusiones de la sección anterior deriva en sugerencias de fortalecer las medidas de distanciamiento entre toda la población. Sin embargo, la evidencia sobre la heterogeneidad en la incidencia de casos por provincias, motiva a analizar la posibilidad introducir las medidas por provincias y evaluar la dinámica agregada generada por los distintos escenarios.

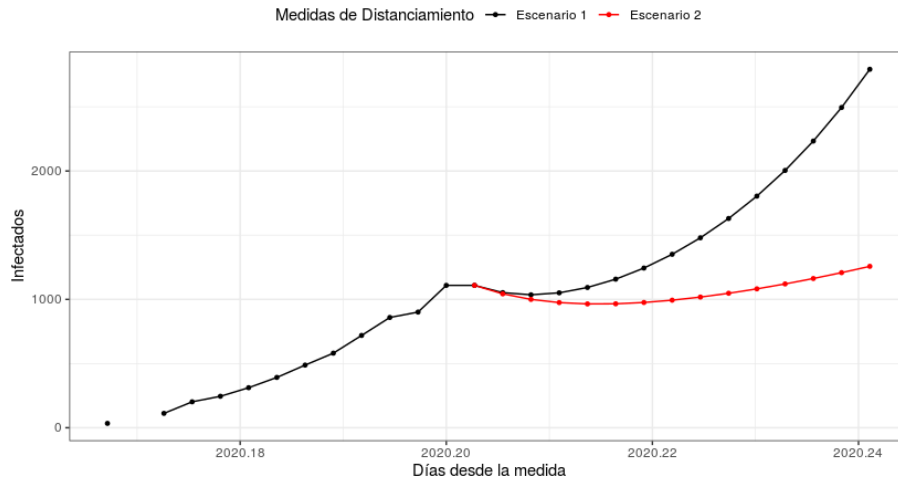
Figura 8. Desempeño del modelo número de infectados para Provincias seleccionadas vs datos oficiales a) Santo Domingo, b) Distrito Nacional, c) Santiago, d) Duarte e) País sin las provincias seleccionadas f) todo el país. Azul datos observados, Rojo modelo de simulación.



La Figura 8, presenta el modelo ajustado para el Distrito Nacional(a), las provincias Santo Domingo (b), Santiago (c) y Duarte (d), el resto del país, sin las provincias mencionadas y todo el país. La suma de los casos en estas localidades equivale a cerca del 80 % de todos los casos reportados a nivel nacional. Por tanto, el análisis de medidas aplicadas de manera local, podría arrojar luz sobre una ruta de acción alternativo para decisiones en el futuro inmediato.

La Figura 9, muestra la dinámica esperada bajo dos escenarios. El primer escenario contempla aplicar medidas extremas de movilidad en las comunidades de mayor incidencia (Duarte y Distrito Nacional) y mantener las medidas actuales en el resto del país.

Figura 9. Impacto de medidas extremas sobre las comunidades de mayor incidencia, sobre la sobre dinámica de los infectados.



5. Conclusiones

En este trabajo se utiliza un modelo SEIR calibrado para la República Dominicana con el objetivo de estudiar la evolución potencial del COVID-19 en el tiempo. Con esta herramienta, se analiza la eficacia de las medidas implementadas por las autoridades sanitarias, entre el 17 y el 30 de marzo, para mitigar la propagación acelerada de la pandemia. El modelo es calibrado tanto a nivel nacional, como a nivel de las provincias de mayor incidencia al momento de la publicación.

Se simulan tres escenarios relativos a la severidad de las medidas de distanciamiento establecidas por las autoridades. Los resultados de la simulación sugieren ganancias sustantivas de las medidas de distanciamiento, tanto en términos de reducir el número de contagios como en la dilatación del periodo cuando se observaría el máximo de contagios.

En términos de recomendaciones de política, si el objetivo es ralentizar la propagación del virus, se sugiere mantener por los siguientes 15 días las medidas de distanciamiento. En caso, de una desviación del comportamiento esperado en un rango de 3 a 5 días, se sugiere ampliar el horario de “toque de queda”, con el fin de incidir nuevamente en el comportamiento de la cadena de contagios.

Futuras extensiones al modelo incluyen el análisis etario del contagio, la inclusión y evaluación de otras políticas sanitarias que incidan en las tasas de transmisión entre grupos y las tasas de mortalidad. Otra extensión consiste en la estimación de los parámetros del modelo. Aunque esto requiere más información sobre la dinámica de la pandemia si se opta por estimar por máxima verosimilitud. No obstante, se podrían utilizar métodos bayesianos para complementar la muestra de datos con información a priori de la distribución de los parámetros del modelo.

Referencias

- Redacción BBC. El coronavirus llega a todos los países de América Latina. <https://www.bbc.com/mundo/noticias-america-latina-51713166>, Marzo 2020.
- Redacción Ministerio Salud Pública MSP. Primer caso importado del nuevo coronavirus confirmado en república dominicana. <https://www.msp.gob.do/web/?p=6383>, Marzo 2020.
- William Ogilvy Kermack and Anderson G McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772):700–721, 1927.
- Wayne M Getz, Richard Salter, Oliver Muellerklein, Hyun S Yoon, and Krti Tallam. Modeling epidemics: A primer and numerus model builder implementation. *Epidemics*, 25:9–19, 2018.
- Vicente L. De Peña and Francisco A. Ramírez. Modelo SIR para el covid-19 en la República Dominicana. <https://drive.google.com/file/d/1w3VhRNDZP-vaoiS-sQQNQRPCvrekFTVh/view?usp=sharing>, 2020.
- Qianying Lin, Shi Zhao, Daozhou Gao, Yijun Lou, Shu Yang, Salihu S Musa, Maggie H Wang, Yongli Cai, Weiming Wang, Lin Yang, et al. A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (covid-19) outbreak in wuhan, china with individual reaction and governmental action. *International journal of infectious diseases*, 2020.
- James D Murray. *Mathematical biology: I. An introduction*, volume 17. Springer Science & Business Media, 2007.
- Faustino Sánchez Garduño. *Clásicos de la biología matemática*. Siglo XXI, 2002.
- José M. Gutierrez and Juan L. Varona. Análisis de la posible evolución de la epidemia de coronavirus covid-19 por medio de un modelo seir. *Departamento de Matemáticas y Computacion, Universidad de la Rioja*, 2020.
- Biao Tang, Nicola Luigi Bragazzi, Qian Li, Sanyi Tang, Yanni Xiao, and Jianhong Wu. An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-ncov). *Infectious Disease Modelling*, 5:248–255, 2020.
- Dirección General de Epidemiología. Boletín especial 4. <http://digepisalud.gob.do/boletin-especial-04-covid-19/>, 2020a.
- Dirección General de Epidemiología. Boletín especial 2. <http://digepisalud.gob.do/boletin-especial-02-covid-19/>, 2020b.
- Miguel A. Herrero. Matemáticas para predecir la propagación del coronavirus. https://elpais.com/elpais/2020/02/04/ciencia/1580806149_218354.html, Febrero 2020.
- Redaccion BBC News. Coronavirus: qué dice el modelo matemático del imperial college de londres que cambió la estrategia de reino unido frente al covid-19. <https://www.bbc.com/mundo/noticias-51930745>, 2020.
- UPV Equipo de investigación MUNQU. Modelización epidemiológica del covid 19. <http://digepisalud.gob.do/boletin-especial-04-covid-19/>, 2020.
- Oswal Antonio Montesinos-López y Carlos Moisés Hernández-Suárez. Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. <https://www.scielo.org/pdf/spm/2007.v49n3/218-226>, 2007.

Kiesha Prem, Yang Liu, Timothy W Russell, Adam J Kucharski, Rosalind M Eggo, Nicholas Davies, Mark Jit, Petra Klepac, et al. The effect of control strategies that reduce social mixing on outcomes of the covid-19 epidemic in wuhan, china. *Centre for the Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working and Jit, Mark and Klepac, Petra, The Effect of Control Strategies that Reduce Social Mixing on Outcomes of the COVID-19 Epidemic in Wuhan, China (3/9/2020)*, 2020.